

(19) 日本国特許庁 (J P)

(12) 公開特許公報 (A)

(11) 特許出願公開番号

特開平7-222590

(43) 公開日 平成7年(1995)8月22日

(51) Int.Cl. ⁸	識別記号	庁内整理番号	F I	技術表示箇所
C 1 2 N 15/09	Z N A	8828-4B		
1/21				
9/02		9281-4B	C 1 2 N 15/ 00	Z N A A
			(C 1 2 N 15/ 00	Z N A A

審査請求 未請求 請求項の数11 F D (全 16 頁) 最終頁に続く

(21) 出願番号 特願平6-35450

(22) 出願日 平成6年(1994)2月8日

(71) 出願人 000002071

チッソ株式会社

大阪府大阪市北区中之島3丁目6番32号

(72) 発明者 鶴野 修平

神奈川県横浜市金沢区乙船町10番3号

(72) 発明者 白石 慎治

神奈川県横浜市金沢区乙船町10番3号

(72) 発明者 西郷 薫

東京都杉並区和泉4丁目31番7号

(74) 代理人 弁理士 野中 克彦

(54) 【発明の名称】 アルテロモナス ハネダイ のルシフェラーゼ遺伝子

(57) 【要約】

【目的】 発光細菌 *Alteromonas hane dai* ルシフェラーゼ遺伝子を提供すること。

【構成】 配列の長さ2124の塩基配列を有するDNAからなるルシフェラーゼ遺伝子。この遺伝子は354個のアミノ酸からなる分子量39,943のαサブユニット蛋白質と327個のアミノ酸からなる分子量36,895のβサブユニット蛋白質をコードしている。この遺伝子を含有する組換えベクター、このベクターを含む細菌。

【特許請求の範囲】

【請求項1】 配列番号1で表される塩基配列を含む、ルシフェラーゼ アルファ サブユニットの遺伝子。

【配列表1】

【請求項2】 配列番号2で表される塩基配列を含む、ルシフェラーゼ ベータ サブユニットの遺伝子。

【配列表2】

【請求項3】 配列番号3で表される塩基配列を含む請求項1記載のルシフェラーゼ アルファ サブユニットの遺伝子。

【配列表3】

【請求項4】 配列番号4で表される塩基配列を含む請求項2記載のルシフェラーゼ ベータ サブユニットの遺伝子。

【配列表4】

【請求項5】 塩基配列が配列番号5で表されるルシフェラーゼ遺伝子。

【配列表5】

【請求項6】 配列番号6で表されるアミノ酸配列を有するルシフェラーゼアルファ サブユニット。

【配列表6】

【請求項7】 配列番号7で表されるアミノ酸配列を有するルシフェラーゼベータ サブユニット。

【配列表7】

【請求項8】 塩基配列が配列番号1および配列番号2で表されるDNAを有する組換えベクター。

【請求項9】 配列番号3および配列番号4で表される塩基配列を有する遺伝子がプラスミドベクターへ挿入された請求項8記載の組換えベクター。

【請求項10】 配列番号1および配列番号2で表される塩基配列を有するDNAを含む組換えベクターを含有する細菌。

【請求項11】 塩基配列が配列番号1および配列番号2で表されるDNAを含む組換えベクターで修飾されてなる細菌を培養することからなる配列番号6および配列番号7で表されるアミノ酸配列を含む酵素の製法。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【産業上の利用分野】 本発明は発光細菌アルテロモナス ハネダイのルシフェラーゼ遺伝子、酵素蛋白、該遺伝子を含む組換えベクター、および該組換えベクターを含有する細菌に関する。

【0002】

【従来の技術】 発光細菌ルシフェラーゼは、還元型フラビンモノヌクレオチド（以下FMNH₂という）と長鎖脂肪酸アルデヒドを酸化し、酸化型フラビンモノヌクレオチド（以下FMNという）と長鎖脂肪酸カルボン酸を生成する反応を触媒する。この際、青緑色の光を発する。細菌ルシフェラーゼは α サブユニットと β サブユニットからなるヘテロダイマーで、 α と β のそれぞれのサ

ブユニットはlux A及びlux B遺伝子にコードされている。本酵素は生体外で長鎖アルデヒドと還元型FMNの共存により発光反応を触媒する。還元型FMNは空气中で即時に自動酸化されるため、一般的にはFMN還元酵素を反応系に共存させ、ルシフェラーゼと共役反応させて、連続発光させることが多い。長鎖アルデヒドとしてはデカナールが一般的に用いられる。このように細菌ルシフェラーゼは生体外でたやすく発光反応を行なえる為、診断検査薬などの標識酵素として有用である。以上のように、細菌ルシフェラーゼは発光反応を触媒する為高感度検出に有用で、その遺伝子の取得により、大量に本酵素を調製することが出来る。

【0003】 細菌ルシフェラーゼはlux遺伝子のlux Aとlux Bにコードされている。今までに、数多くの発光細菌のルシフェラーゼ遺伝子が単離され、その1次構造が明らかにされている。[Baldwin, T. O., T. Berends, T. A. Bunch, T. F. Holzman, S. K. Rausch, L. Sh amansky, M. L. Treat, and M. M. Ziegler. 1984. バイオケミストリー (Biochemistry) 23:3663-3667; Belas, R., A. Mileham, D. Cohn, M. Hilmen, M. Simon, and M. Silverman. 1982. サイエンス (Science) 218:791-793; Cohn, D. H., R. C. Ogden, J. N. Abelson, T. O. Baldwin, K. H. Nealson, M. I. Simon, and A. J. Mileham. 1983. プロシーディング オブ ナショナルアカデミー オブ サイエンス (Proc. Natl. Acad. Sci.) USA 80:120-123; Delong, E. F., D. Steinhauer, A. Israel, and K. H. Nealson. 1987. ジーン (Gene) 54:203-210; Engebrecht, J., K. H. Nealson, and M. Silverman. 1983. セル (Cell) 32:773-781; Evans J. F., S. McCracken, C. M. Miyamoto, E. A. Meighen, and A. F. Graham. 1983. ジャーナル オブ バクテリオロジー (J. Bacteriol.) 153:543-545; Frackman, S., M. Anhalt, and K. H. Nealson. 1990. ジャーナル オブ バクテリオロジー (J. Bacteriol.) 172:5767-5773; Mancini, J. A., M. Boylan, R. R. Soly, A. F. Graham, and E. A. Meighen. 1988. ジャーナル オブ バイオロジカルケミストリー (J. Biol. Chem.) 263:14308-14314; Szittner, R., and

E. Meighen, 1990, ジャーナル オブ バイオロジカルケミストリー (J. Biol. Chem.) 265:16581-16587.]
 しかしながら、アルテロモナス ハネダイのルシフェラーゼ遺伝子に関しては報告されていない。

【0004】

【発明が解決しようとする課題】本発明者らは、鋭意研究の結果、発光細菌 *Alteromonas hanedai* (ATCC 33224) からルシフェラーゼ遺伝子を単離し、その一次構造を明らかにすることに成功し、また該遺伝子を大量に発現する大腸菌を作出することに成功し、本発明を完成するに至った。すなわち、本発明の目的は上述の技術的事情にかんがみ、発光細菌 *Alteromonas hanedai* のルシフェラーゼ遺伝子および酵素を提供することであり、さらに該遺伝子を含む組換えベクター、および該組換えベクターを含む細菌を提供することである。

【0005】

【課題を解決するための手段】本発明は、つぎの(1)～(11)の構成を有する。

- (1) 配列番号1で表される塩基配列を含む、ルシフェラーゼ・アルファ・サブユニットの遺伝子。
- (2) 配列番号2で表される塩基配列を含む、ルシフェラーゼ・ベータ・サブユニットの遺伝子。
- (3) 配列番号3で表される塩基配列を含む前記第(1)項記載のルシフェラーゼ・アルファ・サブユニットの遺伝子。
- (4) 配列番号4で表される塩基配列を含む請求項2記載のルシフェラーゼ・ベータ・サブユニットの遺伝子。
- (5) 塩基配列が配列番号5で表されるルシフェラーゼ遺伝子。
- (6) 配列番号6で表されるアミノ酸配列を有するルシフェラーゼ・アルファ・サブユニット。
- (7) 配列番号7で表されるアミノ酸配列を有するルシフェラーゼ・ベータ・サブユニット。
- (8) 塩基配列が配列番号1および配列番号2で表されるDNAを含有する組換えベクター。
- (9) 配列番号3および配列番号4で表される塩基配列を有する遺伝子がプラスミドベクターへ挿入された前記(8)項記載の組換えベクター。
- (10) 配列番号1および配列番号2で表される塩基配列を有するDNAを含む組換えベクターを含有する細菌。
- (11) 塩基配列が配列番号1および配列番号2で表されるDNAを含む組換えベクターで修飾されてなる細菌を培養することからなる配列番号6および配列番号7で表されるアミノ酸配列を含む酵素の製法。

【0006】本発明の構成と効果につき以下に詳述する。本発明の酵素遺伝子は、配列番号1と配列番号2で表わされる配列に、それぞれ長さ1065と984のヌ

クレオチド鎖を含むのが特徴である。好ましく示す配列としては、配列番号3および配列番号4で表わされるヌクレオチド鎖を含む。具体的には塩基配列が配列番号5で表わされ、配列の長さが2124のDNAを示す。

【0007】配列の種類はゲノムDNAであり、発光細菌 *Alteromonas hanedai* (ATCC 33224) から単離されるものである。その配列の特徴は配列番号5の塩基番号38から1099までの領域に、354個のアミノ酸から成る分子量39,943のルシフェラーゼ α サブユニットと配列番号5の塩基番号1141から2121までの領域に、327個のアミノ酸から成る分子量36,895のルシフェラーゼ β サブユニットをコードしていることである。本発明の酵素遺伝子産物は、細菌ルシフェラーゼに由来する発光活性を有し、たとえば、還元型FMNとデカナールを酸化する発光反応を触媒する活性を有するものである。本発明の酵素は、配列番号1, 2, 3, 4および5の塩基配列から予測される配列番号6および7で表されるアミノ酸配列を有する蛋白質である。その蛋白質は354個のアミノ酸からなる分子量39,943のルシフェラーゼ α サブユニットと327個のアミノ酸からなる分子量36,895のルシフェラーゼ β サブユニットとからなり、発光細菌中で発光活性を有する。

【0008】本発明の組換えベクターは、塩基配列が配列番号1および2で表されるDNAを含有する。すなわち、本発明の組換えベクターは、配列番号1および2で表される塩基配列を有するDNAと、機能的同等物を含む。「機能的同等物」とは適当な宿主による発光細菌のルシフェラーゼ発光活性を有する酵素の産生において、実質的に同じ結果を得るために実質的に同じ方法で利用できるDNA断片のことである。すなわち、塩基配列が異なっても、同一のアミノ酸配列を有する蛋白をコードしうるDNA断片や若干の塩基配列の相違に伴う若干のアミノ酸配列の違いがあるもののルシフェラーゼ発光活性を有する蛋白をコードしうるDNA断片のことを意味する。具体的には配列番号1および2の塩基配列や部位特異的変異導入された配列番号1および2に由来する塩基配列を示すことになる。たとえば、該塩基配列を含有するDNA断片を挿入したプラスミドベクターなどである。このベクターとしては、pUC (C. Yanisch-Perron, J. Vieira & J. Messing, ジーン (Gene), 33, 110-115 (1985)) などが使用できる。

【0009】図3はルシフェラーゼ発現ベクターの構築工程を示す。すなわち、ルシフェラーゼ遺伝子を有するプラスミドpAH18からインサートDNAの一部に相当する約3kbのXba1/EcoRI断片をpUC13のXba1/EcoRI切断部位に挿入し、発現ベクターpALF1を作製した。結果的にpALF1は大腸菌のラクトースオペロンの1acプロモーターの支配下

にルシフェラーゼ遺伝子が配置されており、ルシフェラーゼが発現されるようになっている。本発明の細菌は、配列番号1および2で表される塩基配列を含有する組換えベクターDNAを含む。本発明の細菌の特徴はルシフェラーゼ発光活性を有する蛋白質を生産することである。本発明の酵素の製法は、塩基配列が配列番号1および2で表されるDNAを含む組換えベクター（発現ベクター）で修飾された細菌を培養し、配列番号6および7で表されるアミノ酸配列を含む蛋白質を製造することである。細菌としては、大腸菌など、培地としてはLB培地などをあげることができる。以下、実施例にて本発明で重要な遺伝子の単離とその同定に関する手順をのべる。

【0010】

【実施例】

実施例1

Alteromonas hanedai の luxA 遺伝子の単離

発光細菌 Alteromonas hanedai (ATCC 33224) を *Photobacterium* 培地で 26℃、一晩振とう培養した。10000rpm で遠心分離し集菌した後、トリス塩酸・EDTA 緩衝液（以下、TE 緩衝液という）に菌体を懸濁した。37℃ で1時間リゾチーム処理した後、ドデシル硫酸ナトリウム（以下 SDS と略す）を添加して 50℃ で3時間プロテネースK処理をした。その後、フェノール処理を3回行い、エタノール沈殿し、乾燥した後、TE 緩衝液に溶解し再度プロテネースK処理した。その後フェノール処理3回後エタノール沈殿しゲノムDNAを回収した。

【0011】今までに明らかにされているルシフェラーゼαサブユニットのアミノ酸配列で保存されている領域に対応する図1に示す合成オリゴヌクレオチド・プライマー LUX1 と LUX2 を用いて A. hanedai ゲノムDNAを鋳型にしてPCR法 [Saiki, R. K., D. H. Gelfand, S. Stoffel, S. J. Scharf, R. Higuchi, G. T. Horn, K. B. Mullis and H. A. Erlich (1988) サイエンス (Science) 239 487] により luxA 遺伝子を増幅し、そのDNA断片を pUC8 プラスミド DNA [Hanna, Z., Fregeau, C., Prefontaine, G., Brousseau, R. (1984) ジーン (Gene), 30 247] の HincII 切断部位に挿入した。

【0012】塩基配列の決定

[Hattori, M. & Sakaki, Y. (1986) アナリティカルバイオケミストリー (Anal. Biochem.) 152 232] から A. hanedai の luxA 遺伝子であることを確認した。このプラスミドDNAから luxA 遺伝子部分のDNA断片を

Pst I / EcoRI で切り出し、完全鎖長ルシフェラーゼ遺伝子 (luxA 及び luxB) のスクリーニングのプローブDNAとして用いた。プローブDNAの³²P 標識はランダム・プライミング法 [Feinberg, A. & Vogelstein, B. (1983) アナリティカル バイオケミストリー (Anal. Biochem.) 132 6] で行った。

【0013】実施例2

発光細菌遺伝子のラムダ・ファージライブラリーの作製
上記のゲノムDNAの50μgに10単位の制限酵素 Sau3A I を37℃で作用させた。反応時間5, 10, 20, 30, 45, 60, 90, 120分で一部分取り、エチレンジアミン四酢酸 (EDTA) を加えることにより反応を停止した。それぞれの一部をアガロースゲル電気泳動にかけゲノムDNAの部分分解の度合を確認した。各時間ごとの反応液を1本にまとめエタノール沈殿回収した。それを少量のTE緩衝液に溶解後、アガロースゲル電気泳動にかけ9~23キロベース (kb) の画分を電気泳出操作で回収した。9~23Kb画分を含むアガロースゲルから前記9~23Kb画分のDNAを透析チューブ内に電気泳動的に溶出し、フェノール処理3回後エタノールで沈殿した。それを約200ng/μl になるようにTE緩衝液に溶解した。制限酵素 BamHI であらかじめ切断してアルカリフォスファターゼ (DNAの5' 末端の脱リン酸化を触媒する酵素) で処理された EMBL3 ファージDNAに、前記9~23Kb画分のDNAをT4 DNAリガーゼ (DNA鎖どうしまたは、DNAとRNAの3' OHと5' P末端をホスホジエステル結合でつなぐ酵素) を用いて16℃で一晩連結反応した。連結反応液をバッケーキング抽出液と混合し、22℃で2時間反応して組換えファージを得た。このファージを遺伝子ライブラリーとした。

【0014】実施例3

完全鎖長のルシフェラーゼ遺伝子の単離

実施例2で作製の遺伝子ライブラリーのタイター測定後、プレート当り1万個のファージがブラークを形成するようにまき、37℃で一晩培養した。4℃に2時間放置後、それぞれのプレートに対して、ナイロンメンブレン・フィルターで2枚づつファージをトランスファーした。

【0015】フィルターを変性し、中和後、紫外線照射した。そして、ハイブリダイゼーション液 {20mlの6×SET緩衝液 {20×SET緩衝液: 3MのNaCl, 0.6Mのトリス塩酸 (pH8.0), 0.04MのEDTA}, 10×Denhardt's 液 (牛血清アルブミン、ポリビニルピロリドン、Ficollの各0.2W/V%溶液), 0.1W/V% SDS, サケ精子DNA (熱変性したもの50μg/ml)} に入れ、68℃で1時間保温した。さらに液を入れ替えて1時間保温後、³²P 標識した A. hanedai の luxA のプロ

ープを加え65℃で一晩ハイブリダイゼーションした。溶液を捨てフィルターを2×SET緩衝液で洗浄後、0.2×SET緩衝液65℃で20分間振とうした。この操作を2回繰り返した後、風乾しオートラジオグラフィにかけた。フィルターと現像したX線フィルムを重ねインクマーカーの位置をフィルム上に写し取った。

【0016】一枚のプレートからできた二枚のフィルム上でシグナルが重なりと判定されたファージ（クローン）を約1000個の組換えファージから1個得た。このクローンをλAH18と名付けた。このインサートDNAをpUC13プラスミドのSalI部位に挿入し、pAH18を得た。このプラスミドDNAを鋳型として、PCRクローンの塩基配列を基に調製した合成オリゴヌクレオチドプライマー（20mer）を用いて、ジデオキシ法 [Hattori, M. & Sakaki, Y. (1986) アナリティカル バイオケミストリー (Anal. Biochem.) 152 232] で塩基配列を決定した。

【0017】また、新たにその塩基配列を基に合成プライマーを作製し、ジデオキシ法で塩基配列を決定した。図2にその制限マップを示した。決定された塩基配列で表される遺伝子は、配列番号5に示される通りで、2124bpの長さで、luxA遺伝子及びluxB遺伝子に対応し、塩基番号38~1099までは354個のアミノ酸から成る分子量39,943のルシフェラーゼのサブユニットを、塩基番号1141~2121までは327個のアミノ酸から成る分子量36,895のルシフェラーゼβサブユニットをそれぞれコードすると考えられた。

【0018】実施例4

ルシフェラーゼ遺伝子の発現ベクターの構築とその形質転換株の調製（図3参照）

組換えプラスミドpAH18のDNAをXbaI及びEcoRIで消化し、3Kbの断片を回収し、プラスミドpUC13のXbaI/EcoRI部位にT4DNAリガーゼで連結反応した。その連結反応液の一部を大腸菌D1210株に形質転換した。該形質転換株からプラスミドDNAを調製し、インサートDNAが3Kbのものを選択した。そのプラスミドをpALF1と名付けた。pALF1はラクトースオペロン（lac）のプロモーターの支配下にルシフェラーゼ遺伝子を配置した形となっており、ルシフェラーゼを発現するように構築されている。

【0019】実施例5

ルシフェラーゼの調製とその活性測定

この形質転換株の一晩培養液0.25mlをアンピシリンを含有したLB液体（10ml）培地に植菌し、37℃で2時間振とう培養後、最終濃度が1mMになるよう*

配列

1 ATG AAJ TTK GGL AAK ATM TGR TTK QRS TAK CAJ CCL CCL GGL GAJ ACL 48

*にイソプロピルβ-D（-）-チオガラクトピラノシド（IPTGと略す）を添加し、さらに3時間培養した。IPTG誘導処理した培養液3.0mlを10000rpmで遠心分離し上清を除く。菌体を50mMリン酸カリウム・1mMジチオスレイトール緩衝液0.75mlに懸濁し超音波破砕した。12000rpm、4℃で30分間遠心分離し、その上清を細胞抽出液とした。

【0020】その細胞抽出液に対して、発光活性を調べた。ルシフェラーゼ発光の確認は、1mM FMN25μl、細胞抽出液10μlを含む全量500μlの50mMリン酸緩衝液pH7.0、25℃に10mg/mlのNa₂S₂O₄溶液10μlを加えて還元状態とし、これに500μlの空気飽和のデカナル溶液を急速に加えて、暗室にて内眼で発光することを確認した。デカナル溶液は、純デカナル10μlを0.5W/V%BSA、0.05W/V%トリトンX-100を含む100mlの50mMリン酸緩衝液（pH7.0）に加えて調製した。また、この液体培養菌体に純デカナルを加え、培養容器を振とうすると発光が認められた。以上の結果からpALF1のインサートDNAであるこの遺伝子がルシフェラーゼ遺伝子であることが確認された。

【0021】

【発明の効果】本発明の酵素遺伝子は、発光細菌A. h. anedaiのルシフェラーゼの遺伝子として初めて単離されたものである。適当な宿主、例えば大腸菌を宿主とすることにより、その大腸菌から大量に該酵素蛋白を調製することができる。その発現ベクターを適当な宿主たとえば、大腸菌に導入することにより、発光細菌のルシフェラーゼを大量に発現する生物あるいは微生物を作出することができ、さらにその遺伝子導入生物から抽出することにより該還元酵素を大量に調製することができる。該還元酵素は上述した機能から、多くの測定法に応用でき、たとえば診断薬や検査薬として有用である。

【0022】

【配列表】

【0023】配列番号：1

配列の長さ：1065

配列の型：核酸

鎖の数：1

トポロジー：直鎖

配列の種類：ゲノムDNA

起源

生物名：Alteromonas hanedai

株名：ATCC33224

配列の特徴

特徴を表す記号：CDS

特徴を決定した方法：E

【0024】

9

10

1 Met Lys Phe Gly Asn Ile Cys Phe Ser Tyr Gln Pro Pro Gly Glu Thr 16
 49 CAK AAJ CAJ GTL ATG GAR WGG TTK ATM WGG XTY GGL GTL GCL QRS CAJ 96
 17 His Lys Gln Val Met Asp Arg Phe Ile Arg Leu Gly Val Ala Ser Glu 32
 97 GAJ XTY GGL TTK GAK ACL TAK TGG ACL XTY GAJ CAK CAK TTK ACL GAJ 144
 33 Glu Leu Gly Phe Asp Thr Tyr Trp Thr Leu Glu His His Phe Thr Glu 48
 145 TTK GGL XTY ACL GGL AAK XTY TTK GTL GCL GCL GCL AAK XTY XTY GGL 192
 49 Phe Gly Leu Thr Gly Asn Leu Phe Val Ala Ala Ala Asn Leu Leu Gly 64
 193 WGG ACL AAJ ACL XTY CAJ GTL GGL ACL ATG GGL GTL GTL XTY CCL ACL 240
 65 Arg Thr Lys Thr Leu Gln Val Gly Thr Met Gly Val Val Leu Pro Thr 80
 241 GCL CAK CCL GTL WGG CAJ XTY GAJ GAK GTL XTY XTY XTY GAK CAJ ATG 288
 81 Ala His Pro Val Arg Gln Leu Glu Asp Val Leu Leu Leu Asp Gln Met 96
 289 QRS AAJ GGL WGG TTK AAK TTK GGL GTL GTL WGG GGL XTY TAK CAK AAJ 336
 97 Ser Lys Gly Arg Phe Asn Phe Gly Val Val Arg Gly Leu Tyr His Lys 112
 337 GAK TTK WGG GTL TTK GGL GTL AAK ATG GAJ GAK QRS WGG GGL ATM ACL 384
 113 Asp Phe Arg Val Phe Gly Val Asn Met Gly Asp Ser Arg Gly Ile Thr 128
 385 CAJ QRS TTK CAK ACL ATG ATM ATM GAK GGL GTL AAJ ACL GGL WGG ATM 432
 129 Gln Ser Phe His Thr Met Ile Ile Asp Gly Val Lys Thr Gly Arg Ile 144
 433 QRS QRS GAK GGL GAJ CAK ATM GAJ TTK CCL GAJ GTL GAJ GTL TAK CCL 480
 145 Ser Ser Asp Gly Glu His Ile Glu Phe Pro Glu Val Glu Val Tyr Pro 160
 481 ACL GCL TAK QRS AAJ GAJ XTY CCL ACL TGG ATG ACL GCL GAJ QRS GCL 528
 161 Thr Ala Tyr Ser Lys Glu Leu Pro Thr Cys Met Thr Ala Glu Ser Ala 176
 529 QRS ACL ACL GAJ TGG XTY GCL GAJ WGG GGL XTY CCL ATG GTL XTY QRS 576
 177 Ser Thr Thr Glu Trp Leu Ala Glu Arg Gly Leu Pro Met Val Leu Ser 192
 577 TGG ATM ATM GGL ACL AAK GAJ AAJ AAJ GCL CAJ ATG GAJ XTY TAK AAK 624
 193 Trp Ile Ile Gly Thr Asn Glu Lys Lys Ala Gln Met Glu Leu Tyr Asn 208
 625 GAJ ATM GCL ATM GAJ CAK GGL CAK GAK ATM ACL AAJ ATM GAK CAK TGG 672
 209 Glu Ile Ala Ile Glu His Gly His Asp Ile Thr Lys Ile Asp His Cys 224
 673 ATG ACL TTK ATM TGG QRS GTL GAK AAK GAK QRS AAK AAJ GCL WGG GAK 720
 225 Met Thr Phe Ile Cys Ser Val Asp Asn Asp Ser Asn Lys Ala Arg Asp 240
 721 GTL TGG WGG GCL TTK XTY GCL AAK TGG TAK GAK QRS TAK GTL AAK GCL 768
 241 Val Cys Arg Ala Phe Leu Ala Asn Trp Tyr Asp Ser Tyr Val Asn Ala 256
 769 ACL AAK ATM TTK AAK GAK QRS AAK CAJ ACL WGG GGL TAK GAK TAK CAK 816
 257 Thr Asn Ile Phe Asn Asp Ser Asn Gln Thr Arg Gly Tyr Asp Tyr His 272

11

12

817 AAJ GGL CAJ TGG WGG GAK TTK GTL XTY AAJ GGL CAA ACL AAK QRS AAK 864
273 Lys Gly Gln Trp Arg Asp Phe Val Leu Lys Gly His Thr Asn Ser Asn 288

865 WGG WGG GTL GAK TAK QRS AAK GAJ ATM AAK CCL GTL GGL ACL CCL GAJ 912
289 Arg Arg Val Asp Tyr Ser Asn Glu Ile Asn Pro Val Gly Thr Pro Glu 304

913 GAJ TGG ATM QRS ATM ATM CAJ WGG GAK ATM GAK GCL ACL GGL ATM ACL 960
305 Glu Cys Ile Ser Ile Ile Gln Arg Asp Ile Asp Ala Thr Gly Ile Thr 320

961 AAK ATM ACL TGG GGL TTK GAJ GCL AAK GGL QRS GAJ GAJ GAJ ATM GTL1008
321 Asn Ile Thr Cys Gly Phe Glu Ala Asn Gly Ser Glu Glu Glu Ile Val 336

1009 GCL QRS ATG ATM WGG TTK ATG ACL CAJ GTL GCL CCL TTK XTY AAJ GAK1056
337 Ala Ser Met Gly Arg Phe Met Thr Gln Val Ala Pro Phe Leu Lys Asp 352

1057 CCL QRS ---

353 Pro Ser

(ただし、塩基の3文字連鎖は、左側に5'末端を、右側に3'末端を表わしている。この文字はヌクレオチド配列を形成するプリン又はピリミジン塩基を表わす。また、

A: アデニン、

G: グアニン、

C: シトシン、

J: AもしくはG、

K: TもしくはC、

L: A, T, CもしくはG、

M: A, CもしくはT、

T: チミン、

X: YがAもしくはGの場合はTまたはC、或いはYがCもしくはTの場合はC、

Y: XがCの場合はA, G, CまたはT、或いはXがTの場合はAまたはG、

W: ZがCもしくはTの場合はCまたはA、或いはZがCもしくはTの場合はC、

* Z: WがGの場合はA, G, CまたはT、或いはWがAの場合はAまたはG、

20. GR: SがA, G, CまたはTの場合はTC、***はTAA, TAGもしくはTGAを表す。)

【0025】配列番号: 2

配列の長さ: 984

配列の型: 核酸

鎖の数: 1

トポロジー: 直鎖

配列の種類: ゲノムDNA

起源

生物名: Alteromonas hanedai

30 株名: ATCC33224

配列の特徴

特徴を表す記号: CDS

特徴を決定した方法: E

【0026】

*

配列

1 ATG AAJ TTK GGL XTY TTK TTK XTY AAK TTK CAJ XTY GAK GGL ATG ACL 48
1 Met Lys Phe Gly Leu Phe Phe Leu Asn Phe Gln Leu Asp Gly Met Thr 16

49 QRS GAJ AAK ACL XTY GAK AAK ATG GTL QRS ATG GTL QRS XTY GTL GAK 96
17 Ser Glu Asn Thr Leu Asp Asn Met Val Ser Met Val Ser Leu Val Asp 32

97 GCL GAK GAJ TAK CAA TTK GAK ACL GTL XTY ATM TAK GAJ CAA CAA TTK 144
33 Ala Asp Glu Tyr His Phe Asp Thr Val Leu Ile Tyr Glu His His Phe 48

145 QRS AAJ QRS GGL ATM ATM GCL QRS CCL ATM ACL GCL GCL GGL TTK XTY 192
49 Ser Lys Ser Gly Ile Ile Ala Ser Pro Ile Thr Ala Ala Gly Phe Leu 64

193 XTY GGL XTY ACL AAK WGG XTY CAA ATM GGL QRS XTY AAK CAJ GTL ATM 240
65 Leu Gly Leu Thr Asn Arg Leu His Ile Gly Ser Leu Asn Gln Val Ile 80

241 ACL ACL CAK CAK CCL GTL WGZ GTL GCL GAJ GAJ QRS QRS XTY XTY GAK 288
 81 Thr Thr His His Pro Val Arg Val Ala Glu Glu Ser Ser Leu Leu Asp 96

 289 CAJ ATG QRS GAJ GGL WGZ TTK ATM XTY GGL TTK QRS AAK QRS GAJ AAK 336
 97 Gln Met Ser Glu Gly Arg Phe Ile Leu Gly Phe Ser Asn Ser Glu Asn 112

 337 GAK TTK GAJ ATG GAK TTK TTK AAJ WGZ AAK XTY GCL QRS WGZ CAJ CAJ 384
 113 Asp Phe Glu Met Asp Phe Phe Lys Arg Asn Leu Ala Ser Arg Gln Gln 128

 385 CAJ TTK GAJ GCL TTK TAK GAK ATM ATM AAK GAJ GCL XTY ACL ACL GGL 432
 129 Gln Phe Glu Ala Cys Tyr Asp Ile Ile Asn Glu Ala Leu Thr Thr Gly 144

 433 TAK TTK CAK CCL CAJ AAK GAK TTK TAK GAK TTK CCL AAJ GTL QRS ATM 480
 145 Tyr Cys His Pro Gln Asn Asp Phe Tyr Asp Phe Pro Lys Val Ser Ile 160

 481 AAK CCL CAK TTK QRS AAJ AAK GGL CCL AAJ CAJ TAK GTL GTL GCL 528
 161 Asn Pro His Cys Phe Ser Lys Asn Gly Pro Lys Gln Tyr Val Val Ala 176

 529 ACL QRS AAJ QRS GTL GTL GAJ TGG GCL GCL AAJ AAK GCL XTY QRS XTY 576
 177 Thr Ser Lys Ser Val Val Glu Trp Ala Ala Lys Asn Ala Leu Ser Leu 192

 577 ACL TTK AAJ TGG GAK GAK QRS XTY GCL GAK AAJ GAJ QRS TAK GCL ATG 624
 193 Thr Phe Lys Trp Asp Asp Ser Leu Ala Asp Lys Glu Ser Tyr Ala Met 208

 625 XTY TAK AAK GAJ ATM GCL ATG WGZ TAK GGL ATM GAK ATM QRS AAK GTL 672
 209 Leu Tyr Asn Glu Ile Ala Met Arg Tyr Gly Ile Asp Ile Ser Asn Val 224

 673 GAJ CAK CAJ XTY ACL GTL ATM GTL AAK XTY AAK GCL GAK GGL GAK XTY 720
 225 Glu His Gln Leu Thr Val Ile Val Asn Leu Asn Ala Asp Gly Asp Leu 240

 721 GCL WGZ GAK GAJ GCL AAJ GGL TAK XTY AAJ AAK TAK ATM GTL GAJ ACL 768
 241 Ala Arg Asp Glu Ala Lys Gly Tyr Leu Lys Asn Tyr Ile Val Glu Thr 256

 769 TAK CCL GAK ATM GAK CAK GTL GCL AAJ ATM AAK QRS ATM ATM GCL GAJ 816
 257 Tyr Pro Asp Ile Asp His Val Ala Lys Ile Asn Ser Ile Ile Ala Glu 272

 817 AAK GCL ATM GGL ACL GAR GCL GAJ TAK TAK GAK CAJ ATM AAJ XTY GCL 864
 273 Asn Ala Ile Gly Thr Asp Ala Glu Tyr Tyr Asp Gln Ile Lys Leu Ala 288

 865 GTL GAJ AAJ ACL GGL GTL AAJ AAJ ATM XTY XTY QRS TTK GAJ QRS ATG 912
 289 Val Glu Lys Thr Gly Val Lys Lys Ile Leu Leu Ser Phe Glu Ser Met 304

 913 AAJ GAK QRS AAK GAK GTL AAJ AAK ATM ATM AAK ATG GCL AAK GAK AAJ 960
 305 Lys Asp Ser Asn Asp Val Lys Asn Ile Ile Asn Met Ala Asn Asp Lys 320

 961 ATM QRS AAJ AAK ATM AAJ GCL ----
 321 Ile Ser Lys Asn Ile Lys Ala

(ただし、塩基の3文字連鎖は、左側に5'末端を、右側に3'末端を表わしている。この文字はヌクレオチド配列を形成するプリン又はピリミジン塩基を表わす。また、50

A: アデニン、
 G: グアニン、
 C: シトシン、
 J: AもしくはG、
 K: TもしくはC、
 L: A, T, CもしくはG、
 M: A, CもしくはT、
 T: チミン、
 X: YがAもしくはGの場合はTまたはC、或いはYがCもしくはTの場合はC、
 Y: XがCの場合はA, G, CまたはT、或いはXがTの場合はAまたはG、
 W: ZがCもしくはTの場合はCまたはA、或いはZがCもしくはTの場合はC、
 Z: WがGの場合はA, G, CまたはT、或いはWがAの場合はAまたはG、

*

配列

```

1 ATG AAG TTC GGA AAT ATT TGT TTT TCA TAT CAA CCG CCT GGT GAG ACT 48
1 Met Lys Phe Gly Asn Ile Cys Phe Ser Tyr Gln Pro Pro Gly Glu Thr 16

49 CAT AAA CAG GTA ATG GAT CGT TTT ATT CGA CTT GGC GTT GCT TCG GAA 96
17 His Lys Gln Val Met Asp Arg Phe Ile Arg Leu Gly Val Ala Ser Glu 32

97 GAA CTT GGC TTT GAT ACA TAC TGG ACT CTG GAG CAC CAT TTT ACT GAG 144
33 Glu Leu Gly Phe Asp Thr Tyr Trp Thr Leu Glu His His Phe Thr Glu 48

145 TTC GGT CTT ACT GGT AAC CTT TTT GTT GCT GCA GCA AAT CTA CTT GGC 192
49 Phe Gly Leu Thr Gly Asn Leu Phe Val Ala Ala Ala Asn Leu Leu Gly 64

193 CGA ACT AAA ACA CTG CAA GTT GGG ACG ATG GGG GTT GTA CTC CCT ACA 240
65 Arg Thr Lys Thr Leu Gln Val Gly Thr Met Gly Val Val Leu Pro Thr 80

241 GCT CAT CCA GTT CGA CAA CTA GAA GAT GTA TTG TTA TTG GAT CAA ATG 288
81 Ala His Pro Val Arg Gln Leu Glu Asp Val Leu Leu Leu Asp Gln Met 96

289 TCT AAA GGT CGT TTT AAT TTT GGC GTT GTT CGA GGT TTA TAC CAT AAA 336
97 Ser Lys Gly Arg Phe Asn Phe Gly Val Val Arg Gly Leu Tyr His Lys 112

337 GAT TTC AGG GTA TTT GGC GTC AAT ATG GAA GAC TCA CGC GGC ATA ACT 384
113 Asp Phe Arg Val Phe Gly Val Asn Met Gly Asp Ser Arg Gly Ile Thr 128

385 CAA AGC TTC CAT ACC ATG ATC ATT GAT GGC GTA AAA ACG GGA CGT ATA 432
129 Gln Ser Phe His Thr Met Ile Ile Asp Gly Val Lys Thr Gly Arg Ile 144

433 AGC TCA GAT GGG GAA CAT ATA GAG TTC CCA GAA GTT GAG GTA TAT CCA 480
145 Ser Ser Asp Gly Glu His Ile Glu Phe Pro Glu Val Glu Val Tyr Pro 160

481 ACA GCT TAT TCA AAG GAG CTC CCA ACG TGT ATG ACA GCG GAG TCA GCT 528
161 Thr Ala Tyr Ser Lys Glu Leu Pro Thr Cys Met Thr Ala Glu Ser Ala 176

```

*GR: SがA, G, CまたはTの場合はTC、***はTAA, TAGもしくはTGAを表す。)

【0027】配列番号: 3

配列の長さ: 1065

配列の型: 核酸

鎖の数: 1

トポロジー: 直鎖

配列の種類: ゲノムDNA

起源

10 生物名: Alteromonas hanedai

株名: ATCC33224

配列の特徴

特徴を表す記号: CDS

特徴を決定した方法: E

【0028】

17

18

529 AGC ACA ACG GAG TGG TTA GCT GAG CGG GGA TTG CCA ATG GTG CTT AGC 576
 177 Ser Thr Thr Glu Trp Leu Ala Glu Arg Gly Leu Pro Met Val Leu Ser 192

577 TGG ATA ATT GGA ACC AAC GAG AAA AAA GCG CAA ATG GAA CTT TAT AAT 624
 193 Trp Ile Ile Gly Thr Asn Glu Lys Lys Ala Gln Met Glu Leu Tyr Asn 208

625 GAA ATT GCG ATA GAG CAT GGT CAT GAT ATT ACT AAG ATT GAT CAT TGT 672
 209 Glu Ile Ala Ile Glu His Gly His Asp Ile Thr Lys Ile Asp His Cys 224

673 ATG ACA TTT ATA TGC TCA GTG GAT AAT GAT AGT AAT AAG GCA CGT GAT 720
 225 Met Thr Phe Ile Cys Ser Val Asp Asn Asp Ser Asn Lys Ala Arg Asp 240

721 GTA TGC CGT GCT TTT CTT GCT AAT TGG TAT GAC TCT TAT GTT AAT GCT 768
 241 Val Cys Arg Ala Phe Leu Ala Asn Trp Tyr Asp Ser Tyr Val Asn Ala 256

769 ACC AAC ATA TTC AAT GAT AGC AAC CAA ACT CGT GGC TAT GAC TAT CAC 816
 257 Thr Asn Ile Phe Asn Asp Ser Asn Gln Thr Arg Gly Tyr Asp Tyr His 272

817 AAA GGT CAG TGG AGA GAT TTT GTA CTA AAA GGT CAT ACA AAT AGC AAC 864
 273 Lys Gly Gln Trp Arg Asp Phe Val Leu Lys Gly His Thr Asn Ser Asn 288

865 AGA CGT GTT GAT TAC AGT AAT GAA ATT AAC CCT GTA GGC ACA CCT GAA 912
 289 Arg Arg Val Asp Tyr Ser Asn Glu Ile Asn Pro Val Gly Thr Pro Glu 304

913 GAA TGT ATT TCA ATT ATT CAA CGT GAC ATT GAT GCG ACC GGT ATT ACT 960
 305 Glu Cys Ile Ser Ile Ile Gln Arg Asp Ile Asp Ala Thr Gly Ile Thr 320

961 AAT ATC ACC TGT GGG TTT GAA GCA AAT GGT AGT GAA GAG GAA ATA GTG1008
 321 Asn Ile Thr Cys Gly Phe Glu Ala Asn Gly Ser Glu Glu Glu Ile Val 336

1009 GCT TCT ATG GGA CGG TTT ATG ACA CAA GTG GCT CCT TTT TTG AAA GAC1056
 337 Ala Ser Met Gly Arg Phe Met Thr Gln Val Ala Pro Phe Leu Lys Asp 352

1057 CCT AGC TAG

353 Pro Ser ---

【0029】配列番号：4

配列の長さ：984

配列の型：核酸

鎖の数：1

トポロジー：直鎖

配列の種類：ゲノムDNA

起源

*生物名：Alteromonas hanedai

株名：ATCC33224

配列の特徴

特徴を表す記号：CDS

40 特徴を決定した方法：E

【0030】

*

配列

1 ATG AAA TTT GGA TTG TTT TTC CTC AAC TTT CAG CTA GAT GGT ATG ACT 48
 1 Met Lys Phe Gly Leu Phe Phe Leu Asn Phe Gln Leu Asp Gly Met Thr 16

49 TCA GAA AAC ACT TTA GAT AAT ATG GTG AGC ATG GTG TCT CTT GTT GAT 96
 17 Ser Glu Asn Thr Leu Asp Asn Met Val Ser Met Val Ser Leu Val Asp 32

97 GCT GAT GAA TAT CAT TTT GAT ACA GTA CTC ATA TAC GAA CAT CAT TTT 144

19

20

33 Ala Asp Glu Tyr His Phe Asp Thr Val Leu Ile Tyr Glu His His Phe 48

145 TCT AAA AGT GGC ATT ATA GCT TCA CCT ATT ACA GCG GCT GGT TTT TTA 192
49 Ser Lys Ser Gly Ile Ile Ala Ser Pro Ile Thr Ala Ala Gly Phe Leu 64

193 CTT GGA TTG ACT AAT AGG CTG CAT ATT GGC TCT TTA AAT CAA GTT ATT 240
65 Leu Gly Leu Thr Asn Arg Leu His Ile Gly Ser Leu Asn Gln Val Ile 80

241 ACA ACT CAC CAT CCA GTA CGT GTT GCC GAG GAA TCA AGT TTA TTA GAC 288
81 Thr Thr His His Pro Val Arg Val Ala Glu Glu Ser Ser Leu Leu Asp 96

289 CAG ATG TCT GAA GGT CGT TTC ATT CTG GGA TTC AGC AAT AGT GAA AAC 336
97 Gln Met Ser Glu Gly Arg Phe Ile Leu Gly Phe Ser Asn Ser Glu Asn 112

337 GAC TTT GAA ATG GAT TTC TTT AAA CGT AAT TTA GCA TCT CGG CAA CAG 384
113 Asp Phe Glu Met Asp Phe Phe Lys Arg Asn Leu Ala Ser Arg Gln Gln 128

385 CAA TTT GAA GCT TGT TAT GAC ATC ATT AAT GAG GCG TTG ACG ACT GGA 432
129 Gln Phe Glu Ala Cys Tyr Asp Ile Ile Asn Glu Ala Leu Thr Thr Gly 144

433 TAT TGC CAC CCT CAA AAT GAT TTT TAC GAT TTC CCT AAA GTG TCA ATA 480
145 Tyr Cys His Pro Gln Asn Asp Phe Tyr Asp Phe Pro Lys Val Ser Ile 160

481 AAC CCA CAT TGT TTT AGT AAA AAT GGG CCT AAG CAG TAT GTA GTA GCA 528
161 Asn Pro His Cys Phe Ser Lys Asn Gly Pro Lys Gln Tyr Val Val Ala 176

529 ACA AGT AAA AGT GTC GTT GAA TGG GCC GCT AAA AAT GCA TTG TCT CTG 576
177 Thr Ser Lys Ser Val Val Glu Trp Ala Ala Lys Asn Ala Leu Ser Leu 192

577 ACG TTT AAA TGG GAT GAT AGT CTT GCA GAT AAA GAA AGT TAT GCA ATG 624
193 Thr Phe Lys Trp Asp Asp Ser Leu Ala Asp Lys Glu Ser Tyr Ala Met 208

625 CTT TAT AAT GAA ATT GCG ATG CGT TAT GGT ATT GAC ATT TCA AAT GTA 672
209 Leu Tyr Asn Glu Ile Ala Met Arg Tyr Gly Ile Asp Ile Ser Asn Val 224

673 GAG CAC CAA CTT ACA GTC ATT GTC AAT TTG AAT GCT GAT GGT GAT TTA 720
225 Glu His Gln Leu Thr Val Ile Val Asn Leu Asn Ala Asp Gly Asp Leu 240

721 GCT CGC GAT GAA GCT AAG GGG TAC TTG AAA AAC TAT ATT GTT GAA ACA 768
241 Ala Arg Asp Glu Ala Lys Gly Tyr Leu Lys Asn Tyr Ile Val Glu Thr 256

769 TAT CCA GAC ATC GAT CAT GTG GCT AAA ATA AAT TCA ATC ATT GCA GAG 816
257 Tyr Pro Asp Ile Asp His Val Ala Lys Ile Asn Ser Ile Ile Ala Glu 272

817 AAC GCG ATT GGT ACT GAT GCC GAG TAT TAT GAC CAA ATT AAA CTA GCA 864
273 Asn Ala Ile Gly Thr Asp Ala Glu Tyr Tyr Asp Gln Ile Lys Leu Ala 288

865 GTT GAA AAA ACA GGA GTT AAA AAA ATT CTG TTA TCA TTT GAA TCC ATG 912
289 Val Glu Lys Thr Gly Val Lys Lys Ile Leu Leu Ser Phe Glu Ser Met 304

913 AAG GAT TCA AAT GAT GTT AAA AAT ATT ATT AAT ATG GCA AAT GAC AAA 960
305 Lys Asp Ser Asn Asp Val Lys Asn Ile Ile Asn Met Ala Asn Asp Lys 320

961 ATA TCT AAA AAT ATT AAG GCA TAG
321 Ile Ser Lys Asn Ile Lys Ala

【0031】配列番号: 5

配列の長さ: 2124

配列の型: 核酸

鎖の数: 1

トポロジー: 直鎖

配列の種類: ゲノムDNA

起源

* 生物名: Alteromonas hanedai

株名: ATCC33224

配列の特徴

特徴を表す記号: CDS

10 存在位置: 38-1102, 1141-2124

特徴を決定した方法: E

* 【0032】

配列

10	20	30	40	50
5'-TACTCTATCC	CGTTATATA	AAATAAAGGA	AATAATTATG	AAGTTCGGAA
60	70	80	90	100
ATATTTGTTT	TTCATATCAA	CCGCCTGGTG	AGACTCATAA	ACAGGTAATG
110	120	130	140	150
GATCGTTTTA	TTCGACTTGG	CGTTGCTTCG	GAAGAACTTG	GCTTTGATAC
160	170	180	190	200
ATACTGGACT	CTGGAGCACC	ATTTTACTGA	GTTCCGCTCT	ACTGGTAACC
210	220	230	240	250
TTTTTGTTCG	TGCAGCAAAT	CTACTTGGCC	GAACATAAAC	ACTGCAAGTT
260	270	280	290	300
GGGACGATGG	GGGTTGACT	CCCTACAGCT	CATCCAGTTC	GACAACATGA
310	320	330	340	350
AGATGTAITG	TTATGGATC	AAATGCTTAA	AGGTCGTTTT	AATTTTGGCG
360	370	380	390	400
TTGTTGAGG	TTTATACCAT	AAAGATTCA	GGGTAITTTG	CGTCAATATG
410	420	430	440	450
GAAGACTCAC	GCGGATAAC	TCAAAGCTTC	CATACCATGA	TCATTGATGG
460	470	480	490	500
CGTAAAAACG	GGACGTATAA	GCTCAGATGG	GGAACATATA	GAGTCCACG
510	520	530	540	550
AAGTTGAGGT	ATATCCAACA	GCTTATTCAA	AGGAGCTCCC	AACGTGTATG
560	570	580	590	600
ACAGCGGAGT	CAGTAGCAC	AACGGAGTGG	TTAGCTGAGC	GGGGATTGCC
610	620	630	640	650
AATGGTGCTT	AGCTGGATAA	TTGGAACCAA	CGAGAAAAAA	GCGCAAAATGG
660	670	680	690	700
AACTTTATAA	TGAAATTGCG	ATAGAGCATG	GTCATGATAT	TACTAAGATT
710	720	730	740	750
GATCATTGTA	TGACATTTAT	ATGCTCAGTG	GATAATGATA	GTAATAAGGC
760	770	780	790	800
ACGTGATGTA	TGCCGTGCTT	TTCTTGCTAA	TTGGTATGAC	TCTTATGTTA
810	820	830	840	850
ATGCTACCAA	CATATTCAAT	GATAGCAACC	AAACTCGTGG	CTATGACTAT
860	870	880	890	900
CACAAAGGTC	AGTGGAGAGA	TTTTGTACTA	AAAGGTCATA	CAAATAGCAA
910	920	930	940	950

23

24

CAGACGTGTT GATTACAGTA ATGAAATTAA CCCTGTAGGC ACACCTGAAG
 960 970 980 990 1000
 AATGTATTTC AATTATTCAA CGTGACATTG ATGCGACCGG TATTACTAAT
 1010 1020 1030 1040 1050
 ATCACCTGTG GGTTTGAAGC AAATGGTAGT GAAGAGGAAA TAGTGGCTTC
 1060 1070 1080 1090 1100
 TATGGGACGG TTTATGACAC AAGTGGCTCC TTTTGTGAAA GACCTAGCT
 1110 1120 1130 1140 1150
 AGTCATTAAT ACATTTAATT AAATATAGTA AGGAAATAIT ATGAAATTG
 1160 1170 1180 1190 1200
 GATTGTTTT CCTCACTTT CAGCTAGATG GTATGACTTC AGAAACACT
 1210 1220 1230 1240 1250
 TTAGATAATA TGGTGAGCAT GGTGTCTCTT GTTGATGCTG ATGAATATCA
 1260 1270 1280 1290 1300
 TTTTGATACA GTACTCATAT ACGAACATCA TTTTCTAAA AGTGGCATT
 1310 1320 1330 1340 1350
 TAGCTTCACC TATTACAGCG GCTGGTTTT TACTTGGAIT GACTAATAGG
 1360 1370 1380 1390 1400
 CTGCATATTG GCTCTTTAAA TCAAGTTATT ACAACTCACC ATCCAGTACG
 1410 1420 1430 1440 1450
 TGTTCGCCAG GAATCAAGTT TATTAGACCA GATGCTGAA GGTCGTTTCA
 1460 1470 1480 1490 1500
 TTCTGGGATT CAGCAATAGT GAAACGACT TTGAAATGGA TTTCTTTAAA
 1510 1520 1530 1540 1550
 CGTAATTTAG CATCTCGGCA ACAGCAATTT GAAGCTTGTT ATGACATCAT
 1560 1570 1580 1590 1600
 TAATGAGGCG TTGACGACTG GATATTGCCA CCCTCAAAAT GATTTTACG
 1610 1620 1630 1640 1650
 ATTTCCCTAA AGTGTCAATA AACCCACATT GTTTAGTAA AAATGGGCCT
 1660 1670 1680 1690 1700
 AAGCAGTATG TAGTAGCAAC AAGTAAAGT GTCGTTGAAT GGGCCGCTAA
 1710 1720 1730 1740 1750
 AAATGCATTG TCTCTGACGT TTAATGGGA TGATAGCTTT GCAGATAAAG
 1760 1770 1780 1790 1800
 AAAGTTATGC AATGCTTTAT AATGAAATTG CGATGCGTTA TGGTATTGAC
 1810 1820 1830 1840 1850
 ATTTCAAATG TAGAGCACCA ACTTACAGTC ATTGTCAAAT TGAATGCTGA
 1860 1870 1880 1890 1900
 TGGTGATTTA GCTCGCGATG AAGCTAAGGG GTACTTGAAA AACTATATTG
 1910 1920 1930 1940 1950
 TTGAAACATA TCCAGACATC GATCATGTGG CTAAAAATAA TTCAATCATT
 1960 1970 1980 1990 2000
 GCAGAGAACG CGATTGGTAC TGATGCCGAG TATTATGACC AAATTAAACT
 2010 2020 2030 2040 2050
 AGCAGTTGAA AAAACAGGAG TTAAAAAAT TCTGTTATCA TTTGAATCCA
 2060 2070 2080 2090 2100
 TGAAGGATTC AAATGATGTT AAAAATATTA TTAATATGGC AAATGACAAA
 2110 2120 2130 2140 2150
 ATATCTAAAA ATATTAAGGC ATAG-3'

26

* 【 0 0 3 4 】

*

10

【0035】配列番号：7

配列の型：アミノ酸

50 配列の種類：タンパク質

【 0 0 3 6 】

配列

10

N- Met Lys Phe Gly Leu Phe Phe Leu Asn Phe Gln Leu Asp Gly Met Thr
20 30
Ser Glu Asn Thr Leu Asp Asn Met Val Ser Met Val Ser Leu Val Asp
40
Ala Asp Glu Tyr His Phe Asp Thr Val Leu Ile Tyr Glu His His Phe
50 60
Ser Lys Ser Gly Ile Ile Ala Ser Pro Ile Thr Ala Ala Gly Phe Leu
70 80
Leu Gly Leu Thr Asn Arg Leu His Ile Gly Ser Leu Asn Gln Val Ile
90
Thr Thr His His Pro Val Arg Val Ala Glu Glu Ser Ser Leu Leu Asp
100 110
Gln Met Ser Glu Gly Arg Phe Ile Leu Gly Phe Ser Asn Ser Glu Asn
120
Asp Phe Glu Met Asp Phe Phe Lys Arg Asn Leu Ala Ser Arg Gln Gln
130 140
Gln Phe Glu Ala Cys Tyr Asp Ile Ile Asn Glu Ala Leu Thr Thr Gly
150 160
Tyr Cys His Pro Gln Asn Asp Phe Tyr Asp Phe Pro Lys Val Ser Ile
170
Asn Pro His Cys Phe Ser Lys Asn Gly Pro Lys Gln Tyr Val Val Ala
180 190
Thr Ser Lys Ser Val Val Glu Trp Ala Ala Lys Asn Ala Leu Ser Leu
200
Thr Phe Lys Trp Asp Asp Ser Leu Ala Asp Lys Glu Ser Tyr Ala Met
210 220
Leu Tyr Asn Glu Ile Ala Met Arg Tyr Gly Ile Asp Ile Ser Asn Val
230 240
Glu His Gln Leu Thr Val Ile Val Asn Leu Asn Ala Asp Gly Asp Leu
250
Ala Arg Asp Glu Ala Lys Gly Tyr Leu Lys Asn Tyr Ile Val Glu Thr
260 270
Tyr Pro Asp Ile Asp His Val Ala Lys Ile Asn Ser Ile Ile Ala Glu
280
Asn Ala Ile Gly Thr Asp Ala Glu Tyr Tyr Asp Gln Ile Lys Leu Ala
290 300
Val Glu Lys Thr Gly Val Lys Lys Ile Leu Leu Ser Phe Glu Ser Met
310 320
Lys Asp Ser Asn Asp Val Lys Asn Ile Ile Asn Met Ala Asn Asp Lys
Ile Ser Lys Asn Ile Lys Ala --- -C

【図面の簡単な説明】

【図1】細菌ルシフェラーゼ α サブユニットの保存されたアミノ酸配列と合成オリゴヌクレオチド・プライマー

【図2】本発明の酵素遺伝子の制限酵素地図を示す。矢印で示したところが、酵素の構造遺伝子部分に相当する。

B B a m H I
X X b a I
H H i n d I I I
S S a l I

luxA	ルシフェラーゼ α サブユニット遺伝子
luxB	ルシフェラーゼ β サブユニット遺伝子

50 矢印の方向は、転写の方向を示す。

【図3】本発明に係る発光細菌のルシフェラーゼ遺伝子を含む本発明の発現ベクター pALF1 の構築工程を示す。矢印はルシフェラーゼ遺伝子のコーディング領域である。ボックスは大腸菌のラクトースオペロンのプロモーター部分を示す。

luxA ルシフェラーゼαサブユニット遺伝子

luxB ルシフェラーゼβサブユニット遺伝子

lacP ラクトースオペロンのプロモーター

矢印の方向は、転写の方向を示す。

【符号の説明】

lacP ラクトースオペロンのプロモーター

pUC13 プラスミド・ベクター

pAH18 組換えベクター

pALF1 発現ベクター

BamHI 制限酵素

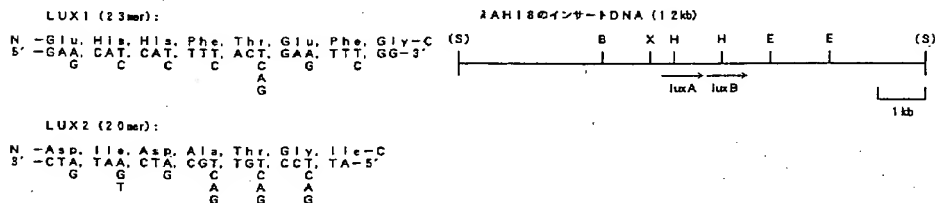
XbaI 制限酵素

HindIII 制限酵素

EcoRI 制限酵素

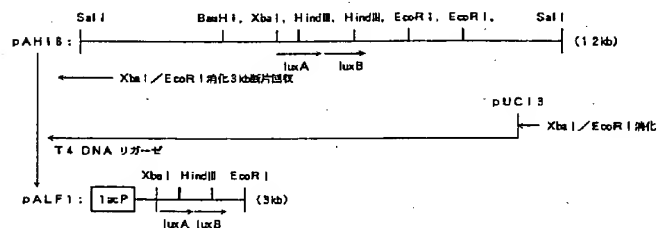
SalI 制限酵素

【図1】



【図2】

【図3】



フロントページの続き

(51) Int. Cl. °

/(C12N 15/09

C12R 1:01)

(C12N 1/21

C12R 1:19)

(C12N 9/02

C12R 1:19)

識別記号

ZNA

序内整理番号

F1

技術表示箇所

C12R 1:01)